Cómo publicar una nueva especie de hongo o nombre, versión 3.0

M. Catherine Aime, Andrew N. Miller, Takayuki Aoki, Konstanze Bensch, Lei Cai, Pedro W. Crous, David L. Hawksworth, Kevin D. Hyde, Paul M. Kirk, Robert Lücking, Tom W. May, Elaine Malosso, Scott A. Redhead, Amy Y. Rossman, Marc Stadler, Marco Thines, Andrey M. Yurkov, Ning Zhang y Conrad L. Schoch

Título original: How to publish a new fungal species, or name, version 3.0

Resumen

Ya ha pasado una década desde que la Comisión Internacional sobre la Taxonomía de los Hongos (ICTF, por sus siglas en inglés) elaboró una visión general de los requisitos y las mejores prácticas para describir una nueva especie de hongo. Desde entonces, el Código Internacional de Nomenclatura para algas, hongos y plantas (ICNafp) ha cambiado su nombre anterior (Código Internacional de Nomenclatura Botánica) y ha introducido nuevos requisitos formales para la publicación válida de nombres científicos de especies, incluyendo la separación de disposiciones específicas para los Hongos y organismos tratados como hongos en un nuevo Capítulo F. Igualmente transformadores han sido los cambios en la recolección de datos, la difusión de la información y las herramientas analíticas disponibles para los micólogos. Este artículo ofrece una discusión actualizada y ampliada sobre los requisitos actúa-les de publicación, junto con las mejores prácticas para la descripción de nuevas especies de hongos y la publicación de nuevos nombres, así como para mejorar el acceso a los metadatos asociados que se han desarrollado en los últimos 10 años. Además, proporcionamos: (1) artículos modelo para diferentes grupos de hongos y circunstancias; (2) una lista de verificación para facilitar el cumplimiento de (i) los requisitos del ICNafp para asegurar la publicación efectiva, válida y legítima de nombres de nuevos taxones, y (ii) los estándares mínimamente aceptados para la descripción; y (3) plantillas para preparar descripciones estandarizadas de especies.

Palabras clave: Repositorios de datos, nomenclatura dual, principios FAIR, publicación legítima, nuevas combinaciones, mejores prácticas taxonómicas, tipificación, publicación válida

INTRODUCCIÓN

Los nombres científicos son un vínculo esencial que sirve para comunicar información biológica en múltiples ámbitos de uso. El sistema linneano, que es central para todos los nombres científicos, data del siglo XVIII. Su principio fundamental de una clasificación jerárquica antecede a los conceptos modernos de evolución y sistemática filogenética, y sin embargo ha perdurado como un

sistema adaptable e intuitivo para nombrar y clasificar la diversidad de los organismos. El uso de nombres binomiales para las especies, basados en el latín y en el griego antiguo latinizado, es una herencia que se ha incorporado a los requisitos para la descripción de nuevas especies, conocidos como los Códigos o Reglas de nomenclatura, los cuales varían entre los distintos grupos de organismos y son desarrollados por organismos internacionales mandatados.

El Código relevante para los hongos, así como para grupos no fúngicos que tradicionalmente se han tratado como hongos, como los oomicetes y los mohos mucilaginosos, es el **Código Internacional de Nomenclatura para algas, hongos y plantas** (ICNafp, o simplemente, el Código). El ICNafp se revisa en las reuniones de la Sección de Nomenclatura de cada Congreso Internacional de Botánica (IBC), que actualmente se celebran cada seis años, **excepto para los grupos de hongos**, cuyas modificaciones específicas se recogen en un **Capítulo F separado**, decidído en cada Congreso Internacional de Micología (IMC), que tiene lugar cada cuatro años. Las versiones actuales del ICNafp y del Capítulo F son, respectivamente, las de **Turland et al. (2018; https://www.iapt-taxon.org/nomen/main.php)** y **May et al. (2019)**.

Para que un nuevo nombre sea válidamente publicado y, por tanto, esté disponible para su uso, existen requisitos formales (o "legales") que impone el Código, denominados Artículos. Por ejemplo, la **designación de un tipo** acompañada de un **diagnóstico y/o una descripción de la especie** es exigida por el Código. La designación de un tipo sirve para vincular el nombre de una especie dada con una entidad física (un espécimen, un cultivo metabólicamente inactivo o, en casos especiales, una ilustración), que se selecciona para representar ese nombre. El **espécimen tipo** actúa como el estándar para futuros análisis comparativos.

Además de seguir las reglas de nomenclatura establecidas por el Código y las Recomendaciones incluidas en él, se espera que los biólogos documenten de manera exhaustiva las especies propuestas recientemente, con el fin de facilitar su identificación y el acceso a los datos por parte de los usuarios. Estas acciones se distinguen de los requisitos formales de la nomenclatura y pertenecen al ámbito independiente de la taxonomía. Así, aunque no existen reglas formales para la descripción taxonómica, sí existen estándares comunitarios de rigor científico, que son aplicados por los editores de revistas y los revisores, y que deben respetarse al publicar nombres de nuevos taxones.

La Comisión Internacional sobre la Taxonomía de los Hongos (ICTF) publicó por primera vez un artículo destinado a ofrecer orientación y buenas prácticas para los autores que propusieran nuevas especies en 1987 (Sigler y Hawksworth 1987), el cual fue actúalizado en 2010 (Seifert y Rossman 2010). El propósito del presente artículo es proporcionar a los micólogos una guía actualizada para la publicación de nuevas especies, incorporando: (1) los cambios en el Código; y (2) las mejores prácticas actualizadas que han surgido desde 2010. Dividimos nuestro enfoque en dos áreas: (i) **nomenclatura**, ofreciendo un conjunto claro de directrices para la publicación válida según lo establecido en el Código; y (ii) **taxonomía**, proponiendo un conjunto de estándares mínimos o buenas prácticas que recomendamos para la documentación en una publicación y para la presentación de datos en repositorios públicos. Finalmente, proporcionamos una lista de verificación para asegurar que las publicaciones cumplan con los requisitos formales de nomenclatura y con las mejores prácticas, ejemplos de artículos modelo, y una plantilla para estandarizar las descripciones de nuevos taxones. En el ámbito de la taxonomía, no existe un único

conjunto de estándares que pueda aplicarse a todos los grupos de hongos y a todas las circunstancias, pero es responsabilidad de los autores seguir los estándares establecidos para su grupo taxonómico y justificar cualquier desviación. Con las directrices y sugerencias presentadas en este artículo, esperamos contribuir a la publicación de nombres válidos, aceptables y útiles de nuevos taxones fúngicos. Asimismo, buscamos fomentar la accesibilidad de los datos asociados a estas acciones, con el fin de mejorar el uso de los nombres taxonómicos y acelerar el descubrimiento científico.

NOMENCLATURA

Requerimientos formales

El objetivo de la nomenclatura es estabilizar el uso de los nombres mediante un conjunto de reglas acordadas internacionalmente, conocido como un Código. El Código más reciente publicado es el que debe seguirse, ya que cada nuevo Código o Capítulo F deja obsoleta la versión anterior. Las nuevas disposiciones del Código también son retroactivas, a menos que estén específicamente limitadas por fecha. Las disposiciones específicas para los hongos han sido separadas en el Capítulo F del ICNafp (https://www.iapt-taxon.org/nomen/pages/main/art_f5.html). Después de cada IMC, se publica una versión revisada del Capítulo F en *IMA Fungus* que reemplaza la versión anterior; el Capítulo F más reciente incluye los cambios aprobados en el IMC11 en San Juan, Puerto Rico, en julio de 2018 (May et al. 2019). Los detalles específicos para hongos cubiertos en el Capítulo F incluyen la sanción de nombres (Art. F.3), la protección mediante listas de nombres (Art. F.2.1) y el registro de nombres y actos de tipificación (Art. F.5). El Código es un documento altamente técnico, pero se proporcionan ejemplos para demostrar la aplicación de las reglas que contiene. Actualmente se ha publicado una explicación general del Código titulada *The Code Decoded* (Turland 2019, https://ab.pensoft.net/article/38075/), que ofrece una versión explicativa del Código formal e incluye ejemplos para nombres fúngicos.

Los cambios más importantes y relevantes realizados al Código desde la publicación de Seifert y Rossman (2010) se resumen aquí:

(1) ***La eliminación de la nomenclatura dual.*** Ya no es aceptable aplicar dos o más nombres científicos para un solo hongo, incluyendo el uso de diferentes nombres para diferentes morfos de la misma especie. Sin embargo, se pueden usar términos informales como "morfos sexuales similares a *Hypocrea*" al describir una nueva especie de *Trichoderma* (sin. *Hypocrea*) o "morfos asexuales similares a *Tubercularia*" para una nueva especie de *Nectria* (sin. *Tubercularia*), en lugar de los nombres genéricos previamente utilizados *Hypocrea* y *Tubercularia*.

(2) ***La eliminación del requisito de latín.*** El latín ya no es obligatorio para las descripciones y/o diagnósticos, y ahora estos pueden ser en inglés o en latín, pero no en ningún otro idioma (Art. 39.2).

(3) ***Registro de novedades nomenclaturales.*** Las novedades nomenclaturales (por ejemplo, nuevos taxones, nombres de reemplazo o nuevas combinaciones) deben ir acompañadas de la cita de un número de identificador obtenido de un repositorio que haya sido designado por el Comité de Nomenclatura para Hongos (NCF) y ratificado por un IMC. Cada nuevo nombre publicado debe tener un identificador separado. Así, cuando se publique un nuevo nombre de género simultáneamente con una o más nuevas especies, cada nuevo nombre (gé-

nero y especie) debe tener identificadores separados (Art. F.5.1). En el momento de escribir esto, los repositorios reconocidos son *Fungal Names* (http://www.fungalinfo.net/), *Index Fungorum* (http://www.indexfungorum.org) y *MycoBank* (https://www.mycobank.org). Solo es necesario obtener un identificador único de uno de estos repositorios para cada novedad nomenclatural. El método estándar para citar el identificador de registro es colocar el número después del nombre del repositorio relevante, en su forma completa y/o como un acrónimo (FN, IF o MB), separado por un espacio (ver plantilla de ejemplo de manuscrito a continuación).

(4) ***Registro de nuevos actos de tipificación.*** A partir del 1 de enero de 2019, cualquier nueva designación de tipo, como la lectotipificación, neotipificación o epitipificación, para taxones descritos previamente en o por debajo del rango de especie, debe ser registrada y el identificador debe ser citado con el acto de tipificación (Art. F.5.4).

(5) ***Tipos de hongos cultivados.*** A partir del 1 de enero de 2019, cuando un tipo se derive de un cultivo vivo, el método de conservación debe ser claramente indicado como "metabólicamente inactivo" (Art. 40.8) para que sea aceptado como el tipo.

(6) ***Homónimos entre Códigos.*** Los homónimos son nombres de familias, géneros o especies que se escriben exactamente igual. Si un nombre es un homónimo posterior, es ilegítimo (Art. 53). A partir del 1 de enero de 2019, los nombres de hongos no solo deben evitar ser homónimos de nombres de otros organismos cubiertos por el Código, sino también evitar repetir nombres de procariotas o protozoos regidos por otros códigos (Art. F.6.1).

Publicación efectiva, válida y legítima

Para que los nombres de nuevos taxones estén disponibles para su uso, deben ser 'eficazmente' y 'válidamente' publicados, y ser 'legítimos'. Estas tres palabras tienen significados precisos en la terminología nomenclatural y no deben utilizarse de otras formas en los manuscritos taxonómicos. Estos términos están definidos en el Glosario del Código, así como en *The Code Decoded* (Turland 2019).

(1) ***Publicación efectiva*** **(Arts. 29–31)**. La publicación efectiva se refiere a los tipos de publicaciones en las que se pueden publicar nombres de nuevos taxones. A partir del 1 de enero de 2012, la publicación efectiva puede incluir formatos exclusivamente en línea, pero debe cumplir con ciertos requisitos, entre ellos que el documento en línea esté disponible en formato PDF y tenga un Número Internacional Normalizado de Publicaciones Seriadas (ISSN) o un Número Internacional Normalizado para Libros (ISBN), tal como se explica en Turland (2019). Al publicar en línea, se desaconseja colocar novedades nomenclaturales y nuevas tipificaciones en material suplementario, ya que estos pueden no ser fácilmente detectables. Además, el material suplementario en línea no se considera publicado eficazmente a menos que esté en formato PDF y esté explícitamente vinculado a una publicación con un ISBN o ISSN (Art. 29.1).

(2) ***Publicación válida*** **(Arts. 32–45).** Para que un nombre de un nuevo taxón sea válidamente publicado, debe cumplir con el requisito de publicación efectiva y cumplir con las disposiciones adicionales establecidas para la publicación válida en el Código vigente. Estas incluyen disposiciones para la designación correcta de holotipos o basiónimos y el registro de nombres. Si un nombre publicado no es válido, por ejemplo, debido a la omisión de un identificador, dicho nom-

bre puede ser validado en un momento posterior y entonces se considerará desde la fecha de su validación. La invalidez de nombres es el problema más común con los nombres nuevos, y el proceso para validarlos posteriormente puede ser complicado. Por lo tanto, se recomienda prestar mucha atención a todos los requisitos para la publicación válida. Cabe señalar que si un nombre no fue válidamente publicado pero se le ha asignado un identificador, ya sea en el protólogo o por un repositorio, su validación posterior requiere un nuevo identificador separado.

(3) ***Publicación legítima*** **(Art. 6).** Además de cumplir con los requisitos tanto de publicación efectiva como válida, un nombre nuevo debe ser legítimo de acuerdo con las reglas del Art. 6.5. Los nombres ilegítimos incluyen homónimos (es decir, un nombre escrito exactamente igual que un nombre publicado anteriormente), o un nombre nuevo que incluya el tipo de un nombre disponible previamente publicado o un epíteto que debió haber sido adoptado.

Designación de un tipo

La designación de un tipo, que sirve como referencia física para un nombre, es uno de los aspectos más importantes de la publicación válida (Art. 40). El propósito de un tipo es fijar la aplicación del nombre (Art. 7.1), es decir, servir como referencia de una especie para investigadores contemporáneos y futuros, a partir de la cual puedan hacerse comparaciones directas con otros especímenes vivos y preservados. Las nuevas especies deben incluir la designación de un espécimen holotipo, y este debe ser depositado en una única institución especificada. Si se designan más de un fungario/herbario/colección de cultivos para el holotipo, el nombre es inválido. Además del holotipo, pueden designarse otros tipos de especímenes en ciertas circunstancias. Los isotipos son duplicados genuinos del holotipo que pueden ser depositados en el mismo repositorio que alberga el holotipo o, preferentemente, en repositorios adicionales. Los epitipos (Art. 9.9) pueden ser designados y vinculados a un tipo existente cuando el material del tipo original carece de caracteres suficientes para ser identificado de forma inequívoca. Al designar un epitipo, debe hacerse referencia al tipo que respalda. Las palabras "designado aquí" deben incluirse para las designaciones de epitipo, lectotipo y neotipo. Las mejores prácticas para la selección de tipos se discuten por separado más adelante.

TAXONOMÍA

Mejores prácticas

La taxonomía biológica es la ciencia de clasificar objetos u organismos. Abarca la identificación, descripción y clasificación de organismos mediante la comparación con taxones conocidos. El objetivo de las mejores prácticas taxonómicas es: (1) proporcionar todos los datos necesarios para que tanto los investigadores contemporáneos como futuros puedan identificar taxones y utilizar los datos asociados en análisis posteriores; y (2) reducir la probabilidad de publicación de nombres taxonómicamente superfluos. A diferencia del Código Internacional de Nomenclatura de Procariotas, el ICNafp no exige que las descripciones cumplan con estándares mínimos para su publicación conforme al Código (ICNP Rec.30; Parker et al. 2019). No obstante, los taxónomos desempeñan cada vez más el papel de intermediarios al vincular información sobre biodiversidad, literatura publicada y bases de datos en línea. Por lo tanto, son responsables de comunicar sus datos de forma que puedan ser verificados, compartidos ampliamente y utilizados por otros científicos (Durkin et al. 2020; Lücking et al. 2020). En esta sección hacemos recomendaciones sobre los estándares mínimos y, preferiblemente, máximos aceptados, que permitirán la repetibilidad y el reexamen de cualquier estudio publicado

y sus análisis.

El primer paso, y quizás el más importante, al prepararse para describir un nuevo taxón, es asegurarse de que no exista ya un nombre para él. Es importante tener en cuenta que no se debe inferir la existencia de una nueva especie únicamente por la ausencia de coincidencias de secuencias en los repositorios públicos. Solo una pequeña fracción de las especies fúngicas descritas está representada en los repositorios públicos y, dependiendo del grupo, se estima que aproximadamente el 30 % de estas secuencias pueden estar mal identificadas (Hofstetter et al. 2019). Una discusión detallada sobre este tema está fuera del alcance del presente artículo, aunque el cumplimiento de las directrices sugeridas aquí y en Dayarathne et al. (2016) reducirá la probabilidad de crear sinónimos superfluos.

Describiendo nuevas especies

El elemento clave de una descripción es la demostración de que un espécimen o cultivo representa una especie que es distinta de las especies previamente descritas. Los autores de nuevas especies deben tener en cuenta que el objetivo de comunicar nuevas especies es hacer que las identidades sean claras y no ambiguas tanto para los usuarios actuales como para las generaciones futuras. Para facilitar este objetivo, las mejores prácticas deben incluir: múltiples colecciones, cuando sea posible, para tener en cuenta y describir la variación fenotípica y, cuando corresponda, genotípica dentro de una especie; el uso de múltiples tipos de datos, cuando sea factible, para una delimitación clara de las especies; y la provisión de herramientas como datos de códigos de barras de ADN para facilitar la identificación rápida. Aunque no siempre será posible cumplir con estas directrices en todas las situaciones (Hawksworth 2020), la diligencia del autor en cumplir tantas de estas recomendaciones como sea posible asegurará la publicación de datos de alta calidad y fáciles de encontrar.

(1) ***Número de colecciones.*** Al describir una nueva especie, siempre es preferible incluir múltiples colecciones de especímenes o aislamientos en cultivo. En circunstancias especiales, como en el caso de taxones raros, taxones de nichos altamente especializados o localidades remotas, hongos fosilizados o microhongos no cultivables, puede que no sea posible obtener múltiples colecciones. En estos casos, se recomienda que los autores proporcionen múltiples líneas de evidencia que podrían incluir, por ejemplo, análisis de ADN multilocus, morfología general y datos fisiológicos o bioquímicos para la designación de nuevas especies. Los autores también deben demostrar diligencia en el intento de obtener material adicional, proporcionando, por ejemplo, información sobre los métodos de muestreo utilizados. Se desaconseja la publicación de especies crípticas basadas en una única colección sin evidencia sólida que la respalde.

(2) ***Evidencia mínimamente aceptada para una nueva especie.*** Las hipótesis de nuevas especies, incluso aquellas con múltiples colecciones, deben estar respaldadas por evidencia proveniente de más de un tipo de dato. Estos pueden incluir, pero no se limitan a: macro- y micromorfología, análisis de ADN multilocus, datos metabólicos o proteómicos (por ejemplo, perfiles de metabolitos secundarios, datos de asimilación, espectrometría de masas), fisiología, ecología, biogeografía, estudios de apareamiento o enfoques específicos para el taxón. Los datos filogenéticos por sí solos pueden ser evidencia insuficiente

para la designación de nuevas especies, y más adelante se detallan recomendaciones para su uso. Es importante no solo incorporar diferentes fuentes de datos, sino también documentar diferentes etapas del ciclo de vida de un hongo, particularmente en linajes con ciclos de vida complejos o múltiples morfos. Por ejemplo, en el caso de especies asexuales, se debe proporcionar evidencia de la diligencia realizada en la búsqueda de estructuras reproductivas sexuales. Es una buena práctica, cuando se trabaja con material fresco, intentar aislar el hongo en cultivo puro. Esto es valioso no solo porque el cultivo puede ser depositado en una colección de cultivos y, por lo tanto, estar disponible para trabajos experimentales futuros, sino que cultivar esporas sexuales como ascosporas o basidiosporas, por ejemplo, puede permitir el descubrimiento de un morfo no visto previamente en la colección original. En algunos taxones, los cultivos son obligatorios, por ejemplo, cuando ciertas características de crecimiento bajo condiciones estándar se utilizan para la delimitación de especies (como en el caso de *Penicillium*).

(3) ***Conceptos de especie.*** Aunque se recomienda emplear una combinación de varios métodos experimentales, conocidos como un enfoque polifásico o taxonomía integrativa, para delimitar especies, los autores deben proporcionar una declaración del concepto de especie utilizado para delimitar las nuevas especies propuestas (Lücking et al. 2020). Dado que los mejores conceptos de especie a aplicar pueden variar, los autores de nuevas especies deben estar familiarizados con el concepto o los conceptos que se han probado y aplicado a su grupo. Una estrategia recomendada es consultar con expertos taxonómicos para un grupo dado o considerar su colaboración en la descripción de nuevas especies.

(4) ***Información ecológica y geográfica mínimamente aceptada.*** El hábitat se refiere al ecosistema del que se recogió el material (por ejemplo, bosque de coníferas, lago, plantación de café). El sustrato es lo que el material estaba creciendo (por ejemplo, madera, hoja de roble, suelo). Solo se debe utilizar el término "hospedante" para describir a los simbiontes (patógenos o mutualistas) aislados directamente sobre o desde el interior de otro organismo (por ejemplo, *Quercus alba*). Cuando se desconoce la ecología, esto debe indicarse (Durkin et al. 2020). La información geográfica debe incluir idealmente coordenadas de muestreo, altitud, clima (temperaturas o clasificación climática) y descripción del biotopo (incluyendo los organismos dominantes); para especies que viven en el suelo, es importante especificar el tipo de suelo de acuerdo con FAO WRB (IUSS Working Group 2015). Las coordenadas geográficas deben ser dadas en grados decimales para facilitar su uso en análisis posteriores.

(5) ***Publicación de secuencias de códigos de barras de ADN.*** Se recomienda que, cuando sea posible, se proporcione la secuencia de código de barras de ADN en un repositorio público, como mínimo, para el espécimen tipo o la cepa ex-tipo. Los números de acceso del repositorio público deben incluirse con la designación del tipo como parte de la declaración de depósito. Recomendamos la generación y publicación del locus de código de barras fúngico (ITS, Schoch et al.

2012), así como cualquier otro locus secundario específico del taxón.

(6) ***Cumplimiento del Convenio sobre la Diversidad Biológica y el Protocolo de Nagoya.*** La Convención de las Naciones Unidas sobre la Diversidad Biológica (CDB) de 1992 y uno de sus acuerdos complementarios, el Protocolo de Nagoya de 2010 (PN), tienen como objetivo promover la conservación de la biodiversidad, garantizar el uso sostenible de la biodiversidad y posibilitar una distribución justa y equitativa de los beneficios derivados del uso de la biodiversidad. De particular relevancia en este respecto es el reconocimiento del derecho soberano de los países sobre los recursos genéticos dentro de sus fronteras y la declaración de que dichos materiales no deben ser extraídos sin el acuerdo entre el recolector de muestras y la autoridad competente en el país de origen de los recursos genéticos. Debido a que las colecciones tipo deben ser retiradas de su entorno y depositadas en una sola institución (Art. 40.7), siempre deben considerarse las siguientes regulaciones: (1) muestreo legal; (2) depósito legal; y (3) utilización de (investigación sobre) el material recolectado. Aunque pueda parecer trivial, es importante recordar que se deben obtener los permisos de muestreo antes de recolectar las muestras. Siguiendo las regulaciones nacionales del CBD/NP, muchas colecciones públicas (fungarios/herbarios para material preservado (muerto) y centros de recursos biológicos para cultivos vivos) verifican para asegurar que todos los nuevos depósitos cumplan con la legislación y solicitan una copia de los permisos de muestreo y/o investigación relevantes. Se recomienda que los autores también incluyan una declaración sobre el cumplimiento del CBD/NP en los métodos o agradecimientos. Mientras que el CBD y el NP representan regulaciones internacionales, la mayoría de los países también tienen requisitos legales separados para la recolección e investigación, incluso si el país no ratificó el CBD (por ejemplo, EE. UU.) o si la regulación nacional del NP no se aplica a un territorio en particular (Groenlandia). Animamos a los taxónomos a colaborar con colegas del país objetivo.

Nuevas combinaciones, nombres en nuevo rango y nombres de reemplazo: Se recomienda encarecidamente que la publicación de nuevas combinaciones incluya evidencia de las decisiones taxonómicas y que los tipos de los basónimos (o nombres reemplazados) sean examinados antes de realizar cualquier cambio y citados. Se debe proporcionar una declaración sobre por qué la especie no debe clasificarse en el género anterior y es más apropiadamente clasificada en el nuevo género. Al combinar especies en diferentes géneros, se deben incluir notas sobre cómo diferenciar la especie recién recombinada de otras especies similares en ese género.

Tipificación: Un tipo sirve como el estándar para futuros análisis comparativos y debe seleccionarse como un representante típico de la especie. Los holotipos deben ser seleccionados, cuando sea posible, de una colección con material adecuado para generar código(s) de barras de ADN y para designar isótipos adicionales. Cuando el material tipo original de nombres previamente publicados es deficiente o ambiguo, las nuevas combinaciones pueden beneficiarse de la designación de un epitipo. Las directrices para determinar si la epitificación es justificada han sido publicadas en otro lugar (Ariyawansa et al. 2014). Siempre que sea posible,

los epitipos deben ser designados del mismo área geográfica y hábitat, sustrato o huésped que el tipo original. Solo un holotipo, lectotipo o neotipo (Art. 9.9) puede ser epitificado, y al designar un epitipo, debe hacerse una referencia al holo-/lecto-/neotipo que el epitipo respalda. En los casos en que el espécimen original de holotipo se haya perdido y no haya material original (o ilustración original) disponible para lectotipificación, se debe designar un neotipo que debe estar en una condición comparable a un epitipo, es decir, debe permitir la interpretación precisa de la especie.

Diagnóstico y descripción: El Código ya no requiere la publicación de ambos, diagnóstico y descripción, aunque al menos uno de los dos debe ser incluido. No obstante, el ICNapf recomienda el uso de ambos, ya que cumplen con propósitos diferentes (Rec. 38B.1).

(1) ***Diagnóstico.*** Un diagnóstico es una declaración breve que delimita el nuevo taxón de otros taxones similares ya descritos. Un diagnóstico debe procurar ofrecer una declaración concisa sobre los caracteres diagnósticos clave para la identificación precisa de la especie.
(2) ***Descripción.*** El objetivo de una descripción, a diferencia de un diagnóstico, es proporcionar un relato completo y detallado de los caracteres del nuevo taxón. Los datos que se deben incluir en una descripción varían entre grupos taxonómicos, pero el objetivo general es ofrecer suficiente detalle específico del taxón para que un usuario pueda confirmar una identificación sin ambigüedades. En general, los datos descriptivos siguen estándares ampliamente establecidos para diferentes grupos taxonómicos (ver artículos modelo sugeridos). Los tipos de datos incluirán una descripción morfológica/fenotípica completa derivada del examen de múltiples especímenes dentro de múltiples colecciones o aislados, cuando sea posible; rango geográfico conocido y preferencias de hospedero o sustrato; y otros datos específicos del taxón, como la publicación de paneles de asimilación en levaduras o perfiles metabólicos.
(3) ***Imágenes y/o ilustraciones.*** La inclusión de una lámina fotográfica o ilustraciones que indiquen características morfológicas/fenotípicas claras suele ser requerida y se recomienda encarecidamente para respaldar las descripciones. Los autores deben proporcionar imágenes de alta calidad de las nuevas especies, que pueden incluir imágenes del hábitat general, incluidos acercamientos, y de características anatómicas diagnósticas, como secciones, características del cultivo o esporas. No es necesario ilustrar características anatómicas no diagnósticas que sean uniformes dentro de un grupo más amplio de especies. Para decidir qué imágenes incluir, los autores deben tener en cuenta que los investigadores posteriores deberían poder evaluar fácilmente los caracteres basándose en la descripción y las imágenes, sin tener que volver a estudiar el material tipo. Al registrar un nuevo taxón, también se recomienda añadir imágenes al registro, especialmente si el protólogo se publica en una revista sin acceso abierto.
(4) ***Notas.*** Las notas se utilizan para ampliar el diagnóstico, por ejemplo, proporcionando una discusión taxonómica más amplia sobre los nuevos taxones en relación con un mayor número de especies similares y/o relacionadas, así como la justificación de por qué se considera que un taxón

es nuevo. También es el lugar adecuado para incluir cualquier observación nomenclatural. Deben citarse los trabajos taxonómicos subyacentes de los cuales se han tomado los datos comparativos.

Citas de autores de especies: Las citas de autores de especies, es decir, los nombres de los autores de un nuevo taxón, también siguen convenciones de nomenclatura. Los nombres de los autores de taxones fúngicos siguen una forma estandarizada, típicamente abreviaturas, cuya lista completa puede encontrarse en *Index Fungorum* (http://www.indexfungorum.org/names/AuthorsOfFungalNames.asp) y en el *International Plant Names Index* (IPNI) (https://www.ipni.org/). Los autores que publican un nombre por primera vez deben consultar *Index Fungorum* o IPNI para asegurarse de que la abreviatura elegida para su nombre no esté ya en uso. Los nuevos taxones subsiguientes deben usar la misma abreviatura para un autor determinado. Si un autor cambia su nombre, por ejemplo, por matrimonio, debe conservar su nombre original para los nuevos taxones. Igualmente importante es determinar qué autores deben incluirse en el nombre del taxón. Estos pueden o no ser los mismos que los autores del artículo en el que se describen los nuevos taxones. Los autores del taxón deben ser elegidos con el mismo criterio que los autores del artículo, es decir, deben ser aquellas personas que participaron directamente en la recolección y/o determinación de la identidad y el estatus del nuevo taxón. Deben evitarse autores superfluos o innecesarios que resulten en listas extensas de autores tras el nombre del taxón. También debe tenerse en cuenta que, según la práctica común, los nombres honoríficos, es decir, los nuevos taxones nombrados en honor a una persona viva, no deben publicarse en artículos en los que la persona homenajeada sea coautora.

Elección de una publicación: La publicación exclusivamente en línea en revistas y otros formatos ya está permitida para que una publicación sea efectiva (pero ver más arriba). Sin embargo, recomendamos que los autores publiquen únicamente en publicaciones revisadas por pares, y que los nuevos nombres incluyan descripciones detalladas, ilustraciones y notas, incluso cuando no sean requeridas por el medio de publicación.

Uso de datos moleculares: La aplicación de datos moleculares en análisis filogenéticos para delimitar taxones se ha convertido en una práctica generalizada y beneficiosa, y puede ser una de las mejores formas de circunscribir con precisión taxones crípticos o especies dentro de complejos. En la mayoría de los casos, el uso de evidencia filogenética debe ser uno de varios tipos de datos empleados para respaldar el reconocimiento de una novedad taxonómica. La publicación de nombres de nuevas especies basadas únicamente en análisis filogenéticos de un solo locus debe realizarse solo en casos excepcionales, como cuando estudios previos han demostrado su utilidad para discriminar especies dentro de la misma línea filogenética. Las recomendaciones sobre la información mínima necesaria para garantizar la repetibilidad y la precisión de las inferencias extraídas de los análisis filogenéticos son las siguientes:

(1) **Número de representantes secuenciados.** Siempre que sea posible, se deben incluir en los análisis múltiples representantes secuenciados de un nuevo taxón, provenientes de diferentes colecciones o aislados, incluyendo, como mínimo, el espécimen tipo. En circunstancias especiales donde esto no sea posible, se recomienda repetir la secuenciación de los loci de ADN respectivos para garantizar la precisión de los datos.

(2) **Número de locus secuenciados.** Siempre que sea posible, las inferencias taxonómicas deben basarse en análisis multilocus. Los análisis de un solo locus que respalden datos extraídos de numerosas otras líneas de evidencia pueden ser apropiados, siempre que la selección de locus concuerde con aquellos que previamente han demostrado proporcionar una resolución adecuada para los taxones en consideración. Si bien la región del código de barras ITS es el locus preferido para la identificación, rara vez lo es para la delimitación de especies (Lücking et al., 2020). No recomendamos el uso generalizado de ITS solo para la delimitación y descripción de nuevas especies, a menos que ya se haya demostrado que tiene el poder de resolución adecuado para el grupo al que se aplica. El uso de loci apropiados para la reconstrucción filogenética y la delimitación de especies varía según el grupo taxonómico, y los autores deben esforzarse en investigar y aplicar los locus más apropiados para su grupo. El uso de datos genómicos en análisis filogenómicos puede satisfacer el requisito de múltiples loci, pero aún así debería cumplir con las recomendaciones para el muestreo apropiado de taxones descritas en el punto (3) a continuación.

(3) **Estrategia de muestreo para análisis filogenéticos.** Recomendamos incluir una declaración explícita sobre la estrategia de selección/muestreo de taxones en la sección de métodos de un artículo que aplique datos filogenéticos a la delimitación de taxones. Incluso con múltiples secuencias de diferentes colecciones y múltiples loci o genomas, los análisis sin el contexto adecuado pueden resultar en inferencias inexactas. Se recomienda encarecidamente la inclusión de secuencias representativas de las especies tipo de un género o géneros tratados, así como secuencias de taxones estrechamente relacionados o similares. Siempre que sea posible, se deben utilizar pruebas de concordancia genealógica para delimitar especies crípticas, incluyendo la publicación de las filogenias de cada locus (por ejemplo, en material suplementario), además del árbol concatenado. Cuando las secuencias utilizadas en los análisis provengan de repositorios públicos, se deben citar los artículos que generaron esos datos.

Mejores prácticas para la accesibilidad de los datos

Datos físicos: Aunque no es obligatorio en el Código, se recomienda encarecidamente que los tipos se depositen en biorepositorios reconocidos y de acceso público. El material tipo no debe depositarse en colecciones privadas o personales de fungarios, herbarios o cultivos. Siempre que sea posible, el material tipo adicional, como isotipos, paratipos o cultivos extipo, debe depositarse en varias instituciones. Asegúrese siempre de que el biorepositorio esté correctamente registrado en el *Index Herbariorum* (Thiers 2020) o en el Directorio Mundial de Colecciones de Cultivos (http://www.wfcc.info/). Los autores que depositen material recolectado en países extranjeros deben poder demostrar que el material se recopiló de conformidad con el PN y cumple con las estipulaciones del país anfitrión sobre el depósito de material (véase anteriormente; Smith et al. 2017; Yurkov et al. 2019). Las recomendaciones sobre las mejores prácticas para el depósito de tipos incluyen:

(1) **Selección de un repositorio.** Siempre que sea posible, asegúrese de que el repositorio sea uno en el que

el acceso a los materiales, ya sea mediante préstamo u otros medios, sea fácil y gratuito. Siempre que sea posible, recomendamos el depósito de uno o más isotipos o paratipos en otros repositorios, idealmente ubicados en diferentes continentes o países, especialmente si la institución del holotipo no es fácilmente accesible.

(2) **Colecciones de cultivos.** El material vivo propagado activamente, como los cultivos con metabolismo activo, no puede servir como holotipo, sino que debe conservarse en un estado metabólicamente inactivo, por ejemplo, mediante criopreservación o liofilización en colecciones de cultivos, o como cultivos secos conservados en fungarios/herbarios. Para los hongos cultivables, el Código recomienda la conservación de cultivos vivos duplicados, preparados a partir de la cepa holotipo, en al menos dos colecciones de cultivos de acceso público (Rec. 8B.1), idealmente ubicadas en más de un país o continente. Se recomiendan repositorios certificados y centros de recursos biológicos (CRB) que cumplan rigurosos estándares de calidad. Cuando el material adicional derivado del cultivo holotipo se almacena metabólicamente inactivo y se especifica como tal, se trata de isotipos en lugar de cultivos extipo. Las cepas vivas derivadas del aislado holotipo deben incluirse en la información de tipo designada como cultivo(s) exholotipo, con su repositorio y número(s) de acceso. No recomendamos el uso de la letra T mayúscula en superíndice para indicar un tipo en la mención del holotipo, ya que su uso es ambiguo. También se desaconseja el uso del signo igual (=) para vincular cepas derivadas del cultivo tipo. Véase un ejemplo de cita de tipo para un tipo que es un cultivo en la sección del manuscrito modelo, más adelante.

Datos digitales: El envío de datos, incluyendo metadatos de especímenes y datos de secuencias moleculares, a repositorios públicos en línea se ha convertido en parte integral de las descripciones modernas de especies, y la cantidad de biodiversidad representada en las bases de datos públicas de secuencias está aumentando rápidamente (Schoch et al., 2020). Los grandes agregadores en línea de especímenes de referencia (p. ej., Atlas of Living Australia, GBIF, iDigBio, MyCoPortal, SpeciesLink) y metadatos de cultivo (p. ej., CBS, UAMH, ATCC) proporcionan recursos esenciales para destacar nuevos descubrimientos de especies más allá de la publicación original y para vincular los diferentes componentes (espécimen, cultivo y secuencia) del espécimen ampliado (Lendemer et al., 2020). Un principio central en el uso moderno de datos es la necesidad de que estos datos sean localizables, accesibles, interoperables y reutilizables, codificados según los principios de datos FAIR (Wilkinson et al., 2016). Este principio es adoptado por importantes almacenes de datos como GBIF, iDigBio y los socios de la Colaboración Internacional de Bases de Datos de Secuencias de Nucleótidos (INSDC; Karsch-Mizrachi et al., 2018), que incluye el Banco de Datos de ADN de Japón (DDBJ), el Archivo Europeo de Nucleótidos (ENA) y GenBank del Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI).

Varias de estas recomendaciones ya se han formulado específicamente para abordar los registros de secuencias del marcador de código de barras ITS, comúnmente utilizado (Nilsson et al., 2012), y aquí las ampliamos de forma más general. Los comprobantes de espécimen y los metadatos de la cepa

siempre deben completarse en los registros INSDC. Esto implica indicar el lugar de depósito (véanse las directrices para su selección más arriba). Si el código de la institución se proporciona correctamente, los metadatos se pueden recopilar directamente de la base de datos de la institución. Esto solo es posible si sus fondos están digitalizados y disponibles en línea. Si los datos no están disponibles en línea en ningún otro lugar, deben proporcionarse completos. No combine la información de comprobantes de múltiples isotipos o cepas coidénticas en un solo registro de secuencia; en su lugar, consulte el comprobante de espécimen individual del que se derivaron los datos de secuencia. A continuación, se ofrecen sugerencias más detalladas:

(1) ***Envío de metadatos de especímenes.*** Depositar especímenes con metadatos con formato Darwin Core (DwC) de alta densidad en colecciones de fungarios, herbarios y cultivos que comparten sus registros en línea no solo ayuda a legitimar los nuevos taxones, sino que también permite a los usuarios encontrar, acceder y verificar el material fácilmente sin tener que buscar en numerosas publicaciones. Como mínimo, los metadatos de los especímenes deben incluir, cuando se conozcan: 1) país, estado/provincia, municipio y localidad; 2) hábitat, sustrato y hospedante (si corresponde); 3) latitud y longitud decimales; 4) altitud en metros; 5) fecha de recolección y, si se trata de un cultivo, fecha de aislamiento; 6) recolector(es) y número de colección; y 7) acrónimo y código de barras o número de accesión del fungario/herbario (véase la Tabla 1). La información que requieren habitualmente las colecciones de cultivos es similar, y todos estos campos, excepto el 4 y el 7, son obligatorios para el depósito (Boundy-Mills et al., 2016). Una vez disponibles en línea los datos de los registros de especímenes, se pueden vincular con repositorios nomenclaturales (*Fungal Names*, *Index Fungorum*, *MycoBank*), bases de datos de secuencias genéticas (p. ej., GenBank), sitios web de científicos ciudadanos (p. ej., Mushroom Observer, iNaturalist) y portales ecológicos (p. ej., FunGuild). Vincular los datos de especímenes con datos auxiliares legibles por máquina en formatos públicos en línea amplía la utilidad de las nuevas especies y facilita el descubrimiento de nuevos taxones de hongos.

(2) ***Emisión de secuencias.***
a. Cualquier marcador de secuencia debe estar claramente etiquetado según su locus o nombre genético de uso común. Las secuencias que se envíen como códigos de barras de ADN solo deben incluir la región de uso general para ese marcador para que las búsquedas BLAST funcionen de forma óptima. Por ejemplo, los envíos para la región ITS (Schoch et al., 2012) deben enviarse únicamente con secuencias flanqueantes cortas de SSU y LSU (Moncada et al., 2020).
b. Recorte los extremos de baja calidad de las secuencias. La calidad de la secuencia se ve afectada por estos extremos variables y, a menudo, afecta los controles de calidad, aumentando la probabilidad de errores de anotación de intrones, etc., lo que puede provocar que algunas secuencias marcadoras se etiqueten como no verificadas y, por lo tanto, se excluyan de ciertas búsquedas en bases de datos.

Tabla 1 Modificadores más comúnmente utilizados y recomendados para registros de secuencias de biodiversidad pública

Calificador NCBI	Nota (el enlace del vocabulario controlado del INSDC se incluye cuando corresponde)	Ejemplo
collected_by	Nombre de la persona que recogió la muestra, por favor utilice iniciales y apellido.	/collected_by = "A.H. Smith"
collection_date	Día, mes y año en que se recogió el ejemplar secuenciado.	/collection_date = "23-Aug-1948"
country	País donde se recolectó la muestra. La información adicional sobre la región o localidad debe ir después del nombre del país y separada por un signo de dos puntos («:»). Consulte http://www.insdc.org/documents/country-qualifier-vocabulary	/country = "USA: Washington, Pierce Country, Mt. Rainier National Park"
culture_collection	Formato para cultivos en colecciones de cultivos: «institution-code:culture-id». Culture-id y Institution-code son obligatorios. Siempre que sea posible, utilice el código documentado en NCBI BioCollections o WFCC.	/culture_collection = "CBS:1752"
host	Si es posible, utilice un binomio completo y verificado. Se aceptan nombres incompletos, como el género sp.	/host = "*Quercus longinux*"
isolate	Utilice esto para los números de laboratorio/números de campo de la muestra/cultivo específico del que se obtuvo esta secuencia.	/isolate = "JT13209"
isolation_source	Reservado para información sobre fuentes físicas o ambientales y sustratos.	/isolation_source = "dead wood"
lat_lon	Latitud y longitud, en grados decimales, del lugar donde se tomó la muestra.	/lat_lon = "28.721667 N 17.785278 W"
note	Agregue cualquier información adicional no estructurada, como el método de aislamiento o la información del isotipo que no se aborda en los otros campos.	/note = "DNA isolation: REPLI-g Single Cell Kit (Qiagen)"
specimen_voucher	Formato para especímenes secos: «código institucional: código interno: id. del espécimen». El id. del espécimen es obligatorio. Siempre que sea posible, utilice el código documentado en NCBI BioCollections o Index Herbariorum, o indique los herbarios personales añadiendo «personal» al principio. Vease http://www.insdc.org/controlled-vocabulary-specimenvoucher-qualifier	/specimen_voucher = "MICH:14410" or /specimen_voucher = "MICH:AH Smith 30,553" o /specimen_voucher = "personal: AH Smith 30,553"
strain	Utilice esto para números de cepas de cultivos puros, es decir, aquellos que no están depositados en colecciones de cultivos.	/strain = "ABC 1234"
tissue_type	Ignore este campo a menos que se refiera a información del tejido fuente, por ejemplo, sangre, piel, etc.	
type_material	Este campo no es enviado por el usuario; se actualiza automáticamente solo después de que los responsables de taxonomía del NCBI verifiquen la publicación o la entrada en la base de datos de nomenclatura. Envíe la publicación completa en formato PDF a gb-admin@ncbi.nlm.nih.gov. (NO utilice el modificador "Tipo" para esta información). Vease http://www.insdc.org/controlled-vocabulary-typematerial-qualifer	/type_material = "holotype of *Tuber anniae*"

c. Asegúrese de enviar la secuencia completa, y no solo la región alineada que puede tener regiones variables excluidas.
d. Siga las instrucciones de la base de datos de miembros del INSDC que esté utilizando. Tenga en cuenta que no todos los campos son compartidos por los tres miembros.
e. La información de los comprobantes asociados a los registros de secuencias públicas debe estructurarse siguiendo los estándares de datos de DwC para permitir la

indexación de los comprobantes y sus biorepositorios (Schoch et al., 2020). Una búsqueda inicial en la base de datos NCBI BioCollections (Sharma et al., 2018) debería proporcionar información sobre el código único a utilizar. Esta base de datos incorpora información de otros recursos más completos. *Index Herbariorum* es la referencia para los acrónimos institucionales de fungarios/herbarios (Thiers, 2020; *Index Herbariorum*, http://sweetgum.nybg.org/science/ih/). Para las colecciones de cultivos, el Directorio Mundial de Colecciones de Cultivos (CCINFO) (http://www.wfcc.info/) y el Centro Mundial de Datos para Microorganismos (http://www.wdcm.org/) proporcionan abreviaturas estandarizadas. La mayoría de las colecciones de hongos, herbarios y cultivos no separan sus fondos en colecciones internas, por lo que el uso común es solo de dos componentes, por ejemplo, "NY:1234" o "CBS:1234". En algunos casos, una colección micológica tendrá una entrada independiente, y se recomienda verificarla en NCBI BioCollections. Por ejemplo, el fungario del Real Jardín Botánico de Kew utiliza K(M), seguido del número de acceso "K(M):123456".

f. Los registros de especímenes se pueden vincular a/desde GenBank mediante la función LinkOut proporcionada por el NCBI. Por ejemplo, el registro de secuencia ITS-LSU de *Cortinarius wiebeae* (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KF732479) se vincula directamente al espécimen holotipo desde los enlaces LinkOut proporcionados (https://mycoportal.org/portal/collections/individual/index.php?occid=343584) en MyCoPortal, lo que vincula su secuencia ITS con el registro de GenBank.
g. Para obtener recomendaciones breves sobre los calificadores más comunes en el NCBI, consulte la Tabla 1. No agregue información duplicada de los comprobantes, como isotipos o cepas coidénticas; cualquier información de comprobante debe reservarse para la muestra/cultivo a partir del cual se generaron las secuencias. Cualquier información adicional puede añadirse como nota.

Modelos para la preparación de manuscritos y descripciones de nuevas especies

Lista de verificación para la publicación de nuevas especies: Fig. 1.

Uso de palabras clave: Cualquier artículo que publique una o más novedades taxonómicas debe incluir las palabras clave "X nuevos taxones" para facilitar la indexación en bases de datos en línea, donde "X" representa el número de nuevos taxones introducidos (Schoch et al., 2017).

Ejemplos publicados de nuevas especies que siguen las mejores prácticas: A continuación, se proporcionan varios ejemplos modelo para describir diferentes tipos de nuevas especies y sus nombres.

(1) *Nueva especie de hongos esporulantes.* (Niveiro et al. 2020. https://doi.org/10.3897/mycokeys.66.4871; Réblová et al. 2020. https://doi.org/10.3897/mycokeys.74.57824)
(2) *Nuevas especies de hongos cultivados, incluidas levaduras.* (Walsh et al. 2021, https://doi.org/10.1080/00275514.2

Lista de verificación para la publicación de nuevas especies

Acciones **REQUERIDAS** en naranja, acciones **DESEADAS** en azul

1. **Selección de revistas**
   - ☐ Revisado por pares
   - ☐ Cumple los requisitos para una publicación efectiva (véase Turland. 2019: Capítulo 4).
2. **Taxonomía**
   - ☐ Asegúrese de que el nombre sea único y difícil de confundir (verifíquelo con varias fuentes: Index Fungorum/MycoBank y Catalogue of Life; véase también la sección "Homónimos de código cruzado").
   - ☐ Asegúrese de que todos los autores del taxón participen directamente en la determinación taxonómica, utilizando las convenciones correctas para los nombres de los autores (véase la sección "Citas de autores de especies").
   - ☐ El nombre se indica como una nueva especie, una nueva combinación (con basiónimo y cita), un nuevo estado (con basiónimo y cita) o un nuevo nombre (con nombre reemplazado).
   - ☐ Obtenga y enumere el número de identificador de Fungal Names, Index Fungorum o MycoBank.
   - ☐ Incluya un diagnóstico breve en latín o inglés (el Código recomienda tanto un diagnóstico como una descripción).
   - ☐ Incluya una etimología informativa que indique la persona, localidad, sustrato o carácter morfológico al que se refiere el epíteto.
   - ☐ Considere las decisiones taxonómicas que generen el menor número de novedades nomenclaturales.
3. **Designación del material tipo**
   - ☐ Holotipo correctamente designado (lugar donde se deposita el espécimen holográfico, preferiblemente en un biorepositorio accesible y designado como "metabólicamente inactivo" si se trata de un cultivo).
   - ☐ Comprobante holográfico seleccionado con material abundante y de buena calidad.
   - ☐ Incluir isotipos, paratipos o cultivos extipo adicionales (si es posible, en biorepositorios accesibles).
   - ☐ Incluir código(s) de barras de ADN con el número de acceso INSDC.
4. **Descripción de la especie y notas**
   - ☐ Incluya una descripción inequívoca y completa en latín o inglés (el Código recomienda tanto un diagnóstico como una descripción).
   - ☐ Incluya una lámina fotográfica o ilustraciones para indicar las características morfológicas/fenotípicas que respalden claramente las descripciones.
   - ☐ Incluya notas para la identificación del nuevo taxón con taxones relacionados, similares o codistribuidos.
   - ☐ Nuevas combinaciones: justificación para la clasificación en el nuevo género incluida en las notas.
5. **Manuscrito**
   - ☐ **Palabras clave:** Incluir "X nuevos taxones" (donde X es el número de nuevos taxones en la publicación).
   - ☐ **Métodos:** Incluir detalles del muestreo de taxones para datos filogenéticos.
   - ☐ **Métodos:** Atribuir el uso de datos de otros autores, incluyendo datos de secuencia.
   - ☐ **Resultados:** Incluir una declaración sobre el concepto de especie aplicado.
   - ☐ **Resultados:** Analizar más de un tipo de datos (p. ej., morfología general, hospedador/ecología, datos filogenéticos).
   - ☐ **Si se utilizan datos filogenéticos:** Utilizar más de una colección/aislado; si solo hay una colección disponible y justificada, entonces realizar una secuenciación repetida de cada locus.
   - ☐ **Si se utilizan datos filogenéticos:** Utilizar más de un marcador; si solo se aplica un marcador, indicar que se ha demostrado que tiene suficiente poder de resolución para el grupo.
   - ☐ **Si se utilizan datos filogenéticos:** Aplicar el muestreo de taxones adicional apropiado para el contexto, discutido en métodos.
6. **Depósito de datos**
   - ☐ Depositar los datos de secuencias en una base de datos asociada al INSC (NCBI/EBI/DDBJ).
   - ☐ Recortar los extremos de secuencias de baja calidad antes del envío (véase "Envío de secuencias").
   - ☐ Asegurarse de que los comprobantes estén correctamente anotados en los registros públicos y aparezcan *exactamente* como aparecen en la publicación (véase la Tabla 1).
   - ☐ Completar los campos de metadatos de especímenes en las bases de datos en línea de especímenes comprobantes y los registros públicos de secuencias pertinentes.
7. **Publicación posterior**
   - ☐ Asegúrese de que todos los repositorios de datos pertinentes estén actualizados y se proporcionen con un archivo PDF (p. ej., Nombres de Hongos/Índice Fungorum/MycoBank, NCBI/EBI/DDBJ, MyCoPortal, biorepositorios).
   - ☐ Actualice los registros de nucleótidos para reflejar los nuevos nombres taxonómicos y datos de publicación (envíe cualquier actualización a gb-admin@ncbi.nim.nih.gov).
   - ☐ Asegúrese de que el material tipo esté correctamente indicado en la Taxonomía del NCBI (verifique la entrada de la especie en el NCBI TaxBrowser).

Fig 1. Lista de verificación para la publicación de nuevas especies

020.1803649; Haelewaters et al. 2020, https://doi.org/10.3114/fuse.2020.05.12; Santos et al. 2020, https://doi.org/10.1002/yea.3453; Aime et al. 2018, https://doi.org/10.1080/00275514.2018. 1446650; Bezerra et al. 2017, https://doi.org/10.1007/s11557-016-1254-0; Toome et al. 2013, https://doi.org/10.3852/12-251;

Gimánez-Jurado et al. 2003, https://doi.org/10.1099/ijs.0.02470-0)

(3) *Especies estériles (solo conocidas a partir de estructuras vegetativas) (es decir, la mayoría de los hongos endófitos).* (Noumeur et al. 2020, https://doi.org/10.1007/s11557-02001581-9; Wibberg et al. 2021, https://doi.org/10.1007/s13225-020-00447-5; Koch et al. 2018, https://doi.org/10.1007/s11557-018-1411-8; Knapp et al. 2015, https://doi.org/10.3767/003158515X687669)

(4) *Nuevas especies de hongos parásitos/patógenos.* (Liu et al. 2020, https://doi.org/10.1080/00275514.2020.1781496; Luo et al. 2017, https://doi.org/10.1080/00275514.2017.1400306; Aoki et al. 2013, https://doi.org/10.3852/12-262; Edwards et al. 2016, https://doi.org/10.3852/15-333)

(5) *Nueva especie de hongos liquenizados o liquenícolas.* (Lendemer 2021, https://doi.org/10.1639/00072745-124.1.090; Spribille et al. 2020, https://doi.org/10.1017/S0024282920000079; Diederich et al. 2019, https://doi.org/10.2478/pfs-2019-0021; Lücking et al. 2017, https://doi.org/10.1007/s13225-0160374-9)

(6) *Nuevas especies de hongos fósiles.* (Pound et al. 2019, https://doi.org/10.1080/01916122.2018.1473300)

(7) *Nueva especie de hongo críptico.* (Kruse et al. 2018, https://doi.org/10.5598/imafungus.2018.09.01.05)

(8) *Nuevas especies basadas en caracteres específicos del taxón*. (Kuhnert et al. 2017, https://doi.org/10.1007/s13225-016-0377-6)

(9) *Nuevas especies basadas en diagnósticos moleculares*. (Linde et al. 2017, https://doi.org/10.5598/imafungus.2017.08.01.03)

(10) *Nuevas combinaciones*. (Hernández-Restrepo et al. 2020, https://doi.org/10.3114/fuse.2020.06.01; Luo and Zhang 2013, https://doi.org/10.3852/12-359)

(11) *Resurgimiento y aplicación de nombres "antiguos"*. (Wittstein et al. 2020, https://doi.org/10.1016/j.simyco.2020.01.001; Minnis et al. 2012, https://doi.org/10.3852/11-350)

(12) *Epitificación.* (Mighell et al. 2021, https://doi.org/10.1080/00275514.2020.1816386; Lendemer 2020, https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/tax.12289)

Ejemplos de envíos en GenBank:

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MH040548.1

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NR_111529.1

Tenga en cuenta que el segundo ejemplo es una entrada RefSeq del NCBI que fue seleccionada por un curador del NCBI de un registro de GenBank y, en este caso, recibió metadatos adicionales, aunque los datos de la secuencia permanecen inalterados (Robbertse et al., 2017).

Plantilla de ejemplo para una nueva descripción de especie:

Minueva especie Auth. y Auth2, sp. nov. **Fig(s)** xxxx [citar los incluidos]

[Uno de] Fungal Names/Index Fungorum/MycoBank: FN/SI/MB XXXXXX.

Etimología: Explique el origen y el significado del nuevo nombre de la especie (Art. 23). Tenga en cuenta la facilidad de pronunciación y/o ortografía de los nombres al seleccionarlos. Véase Stearn (1992) para las versiones en latín de términos descriptivos y nombres de regiones geográficas o lugares.

Diagnóstico [inglés o latín]: Similar a

Xxxxx xxxx pero difiere en algunas características clave/de diagnóstico.

[Ej. 1—el tipo es un espécimen no cultivado] **Tipo**: PAÍS: Estado/Provincia, Municipio/Condado/Distrito, Localidad; Coordenadas geográficas (en grados decimales), altitud (en metros). Bioma/hábitat, sustrato/hospedante. Fecha (00 Mes 0000) de recolección/aislamiento. *Número de recolección del/de los recolector(es)*. (**Holotipo** FUNGARIUM/HERBARIUM XXXX; **isotipo** FUNGARIUM/HERBARIUM XXXX; [si corresponde] cultivo exholotipo CULTURE_COLLECTION XXXX). GenBank/ENA/DDBJ: XXXXXXXX (ITS); XXXXXXXX (Otro locus).

[Ej. 2—el tipo es un cultivo] Tipo: PAÍS: Estado/Provincia, Municipio/Condado/Distrito, Localidad; Coordenadas geográficas (en grados decimales), altitud (en metros). Bioma/hábitat, sustrato/hospedante. Fecha (00 Mes 0000) de recolección/aislamiento. *Número de recolector(es)*. (**Holotipo** FUNGARIUM/HERBARIUM/CULTURE_COLLECTION XXXX, almacenado en un estado metabólicamente inactivo; **isotipo** FUNGARIUM/HERBARIUM/CULTURE_COLLECTION XXXX, almacenado en un estado metabólicamente inactivo; cultivo ex-holotipo CULTURE_COLLECTION XXXX, CULTURE_COLLECTION XXXX). GenBank/ENA/DDBJ: XXXXXXXX (ITS); XXXXXXXX (Otro_locus).

Descripción [inglés o latín]: Esta sección contendrá una descripción completa que incluye:

Forma sexual (si está presente).

Forma asexual (si está presente).

Descriptores específicos del taxón: p. ej., pruebas de asimilación, análisis bioquímicos, morfología general del cultivo, temperaturas óptimas de crecimiento. Consulte las fotografías o ilustraciones que complementan las descripciones.

Ecología/Sustrato/Hospedante: Esta sección proporcionará una descripción concisa de la ecología conocida, incluyendo el bioma, el hábitat y el sustrato/hospedante.

Distribución: Esta sección proporcionará una descripción concisa de la distribución del nuevo taxón tal como se conoce actualmente. Esto puede incluir datos recuperados de repositorios públicos, como los datos de ITS de GenBank, UNITE o GlobalFungi, que muestran una distribución más amplia que la del material examinado.

Material examinado: Una lista de todas las demás colecciones/aislamientos adicionales de *Minueva especie*. El formato es el mismo que el de la designación del holotipo. Cuando corresponda, también puede incluir un segundo párrafo que enumere las colecciones no conespecíficas examinadas que también se compararon con *Minueva especie* para delimitar la nueva especie, e incluir otros especímenes tipo o tipos genéricos consultados para la comparación.

Notas: Estas incluirán cualquier nota adicional sobre el nuevo taxón. Estas típicamente consisten en: (1) Una breve declaración resumida sobre la justificación del nuevo taxón, incluyendo consideraciones sobre los datos subyacentes y sus limitaciones. (2) Una discusión taxonómica comparativa que amplía el diagnóstico, donde *Minueva especie* se compara con todas las especies similares y relacionadas, tales como aquellas similares en morfología, y especies similares que comparten los mismos nichos u hospedantes, están codistribuidas, y/o están filogenéticamente estrechamente relacionadas. Incluye citas de referencias taxonómicas subyacentes de las cuales se obtuvieron datos comparativos. (3) Donde sea necesario, un párrafo sobre aspectos nomenclaturales, en particular si se han estudiado los tipos de nombres disponibles para asegurarse de que la nueva especie no tiene un nombre disponible anterior. (4) Otras notas sobre el nuevo taxón, tales como características únicas o usos potenciales.

Plantilla de ejemplo para una nueva descripción de combinación:

Minueva combinacion (Auth.) Auth2, comb. nov. [Uno de] Fungal Names/Index Fungorum/MycoBank: FN/IF/MB XXXXXX.

Basiónimo: nombre original y referencia completa y directa a su autor y lugar de publicación válido, con página (o referencia de lámina) y fecha. Véase el artículo 30.3 de la ICNafp para una cita correcta en diferentes circunstancias.

[Cuando sea necesario] **Tipificación**: Lecto/Neo/Epitipo designado aquí: PAÍS: Estado/Provincia, Municipio/Condado/Distrito, Localidad; Coordenadas geográficas (en grados decimales), altitud (en metros). Bioma/hábitat, sustrato/hospedante. Fecha (00 Mes 0000) de recolección/aislamiento. Número de recolector(es). (**Lecto/Neo/Epitipo** FUNGARIUM/HERBARIUM XXXX; Identificador de tipificación [Uno de] Nombres de hongos: FN XXXXXX -OR- Index Fungorum: IF XXXXXX -OR- MycoBank: MBT XXXXXXXX). GenBank/ENA/DDBJ: XXXXXXXX (ITS); XXXXXXXX (Otro_Locus). En el caso de una epitipificación, también debe indicarse el holo/lecto/neotipo admitido.

Descripción: Esta sección contendrá una nueva descripción si hay nuevos datos que reportar. También puede contener una referencia a otras descripciones e ilustraciones publicadas.

Sustrato/Hospedante: Igual que el anterior, si existen nuevos datos que reportar.

Distribución: Igual que el anterior, si existen nuevos datos que reportar.

Material examinado: Igual que el anterior. Incluya los especímenes tipo examinados que han dado origen a la nueva combinación.

Notas: Estas explican por qué *Minueva combinacion* pertenece al género *Minueva* y no al anterior, así como una breve comparación con especies similares o relacionadas del nuevo género. Cuando sea necesaria una lecto/neo/eptipificación, se deben justificar.

CONCLUSIONES

Siempre debe tenerse presente que introducir un nuevo nombre científico es una responsabilidad, ya que este permanecerá en las bases de datos para que lo tengan en cuenta todos los investigadores futuros, incluso si resulta no estar publicado válidamente o ser sinónimo de una especie ya conocida. La presente contribución no considera las diversas dificultades taxonómicas que pueden encontrarse al describir nuevas especies de hongos, algunas de las cuales se han señalado recientemente en otros estudios (Hawksworth, 2020). Tampoco aborda las cuestiones relacionadas con la aplicación de nombres previamente publicados y su tipificación, que en ocasiones pueden ser complejas, especialmente para nombres publicados en los siglos XVIII y XIX en ausencia de normas consensuadas internacionalmente (Dayarathne et al., 2016). Por lo tanto, el ICTF está planificando una guía complementaria sobre las mejores prácticas para el manejo de nombres antiguos, y se proporcionan documentos modelo (n.º 11, arriba) como orientación. Finalmente, el ICTF está planificando una guía sobre cuestiones adicionales relacionadas con la recopilación y el almacenamiento de referencias y cultivos fúngicos que ampliará las recomendaciones del presente documento.

En este artículo, proporcionamos una lista de requisitos formales para la publicación efectiva, válida y legítima de nuevos taxones. Además, se formulan recomendaciones sobre las responsabilidades de los autores, como proporcionar datos descriptivos y figuras adecuadas, la atribución de los datos subyacentes utilizados en las comparaciones y la anotación precisa de los datos en bases de datos públicas. Idealmente, recomendamos que las revistas adopten al menos las prácticas mínimas requeridas aquí sugeri-

das. Anteriormente, el ICTF publicó recomendaciones sobre buenas prácticas para la presentación de palabras clave para taxones nuevos (Schoch et al., 2017) y sobre el uso de la cursiva (Thines et al., 2020), las cuales han sido adoptadas por numerosas revistas y se incluyen en las directrices para autores. Proporcionamos diversas herramientas, como una lista de verificación y plantillas, para garantizar que los datos publicados cumplan con los requisitos del Código y las buenas prácticas de la comunidad. También fomentamos la publicación de datos moleculares, especialmente datos de códigos de barras de ADN, para nuevas especies. Como se mencionó anteriormente, el Código no aborda actualmente la denominación de linajes conocidos únicamente a partir de datos de secuencias, pero se siguen debatiendo soluciones prácticas en la comunidad fúngica (Lücking et al., 2021). Si bien no hay un único conjunto de recomendaciones aplicable a todos los hongos y en todas las circunstancias, es responsabilidad de los autores proporcionar la mayor cantidad posible de datos de alta calidad para futuros usuarios. Al seguir estas directrices, incluyendo el paso importante, aunque a menudo pasado por alto, de actualizar los repositorios tras la publicación, los taxónomos permitirán la verificación independiente de las hipótesis taxonómicas y garantizarán que la gestión de datos facilite el uso posterior y el acceso a información y metadatos precisos sobre la biodiversidad.

Referencias

Aime MC, Urbina H, Liber JA, Bonito G, Oono R (2018) Two new endophytic species in Atractiellomycetes, Atractidochium hillariae and Proceropycnis hameedii. Mycologia 110(1):136–146. https://doi.org/10.1080/00275514.201 8.1446650

Aoki T, Smith JA, Mount LL, Geiser DM, O'Donnell K (2013) Fusarium torreyae sp. nov., a pathogen causing canker disease of Florida torreya (Torreya taxifolia), a critically endangered conifer restricted to northern Florida and southwestern Georgia. Mycologia 105(2):312–319. https://doi.org/10.3 852/12-262

Ariyawansa HA, Hawksworth DL, Hyde KD, Jones EBG, Maharachchikumbra SSN, Manamgoda DS, Thambugala KM, Udayanga D, Camporesi E, Daranagama A, Jayawardena R, Liu JK, McKenzie EHC, Phookamsak R, Senanayake IC, Shivas RG, Tian Q, Xu JC (2014) Epitypification and neotypification: guidelines with appropriate and inappropriate examples. Fungal Diversity 69(1):57–91. https://doi.org/10.1007/s13225-014-0315-4

Bezerra JDP, Oliveira RJV, Paiva LM, Silva GA, Groenewald JZ, Crous PW, SouzaMotta CM (2017) Bezerromycetales and Wiesneriomycetales Ord. Nov. (class Dothideomycetes), with two novel genera to accommodate endophytic fungi from Brazilian cactus. Mycological Progress 16(4):297–309. https://doi.org/10.1 007/s11557-016-1254-0

Boundy-Mills KL, Glantschnig E, Roberts IN, Yurkov A, Casaregola S, Daniel HM, Groenewald M, Turchetti B (2016) Yeast culture collections in the twenty-first century: new opportunities and challenges. Yeast 33(7):243–260. https://doi. org/10.1002/yea.3171

Dayarathne MC, Boonmee S, Braun U, Crous PW, Daranagama DA, Dissanayake AJ, Ekanayaka H, Jayawardena R, Jones EBG, Maharachchikumbura SSN, Perera RH, Phillips AJL, Stadler M, Thambugala KM, Wanasinghe DN, Zhao Q, Hyde KD, Jeewon R (2016) Taxonomic utility of old names in current fungal classification and nomenclature: conflicts, confusion & clarifications. Mycosphere 7(11):1622–1648. https://doi.org/10.5943/mycosphere/7/11/2

Diederich P, Common RS, Braun U, Heuchert B, Millanes A, Suija A, Ertz D (2019) Lichenicolous fungi from Florida growing on Graphidales. Plan and Fungal Systematics 64(2):249–282. https://doi.org/10.2478/pfs-2019-0021

Durkin L, Jansson T, Sanchez M, Khomich M, Ryberg M, Kristiansson E, Nilsson RH (2020) When mycologists describe new species, not all relevant information is provided (clearly enough). MycoKeys. 72:109–128. https://doi.org/10.3897/ mycokeys.72.56691

Edwards J, Auer D, de Alwis S-K, Summerell B, Aoki T, Proctor RH, Busman M, O'Donnell K (2016) Fusarium agapanthi sp. nov., a novel bikaverin and fusarubin-producing leaf and stem spot pathogen of Agapanthus praecox (African lily) from Australia and Italy. Mycologia 108(5):981–992. https://doi. org/10.3852/15-333

Gimánez-Jurado G, Kurtzman CP, Starmer WT, Spencer-Martins I (2003) Metschnikowia vanudenii sp. nov. and Metschnikowia lachancei sp. nov., from flowers and associated insects in North America. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 53(5):1665–1670. https://doi.org/10.1099/ijs.0.02470-0

Haelewaters D, Toome-Heller M, Albu S, Aime MC (2020) Red yeasts from leaf surfaces and other habitats: three new species and a new combination of Symmetrospora (Pucciniomycotina, Cystobasidiomycetes). Fungal Systematics and Evolution 5(1):187–196. https://doi.org/10.3114/fuse.2020.05.12

Hawksworth DL (2020) Lessons from 50 years describing and classifying fungi. Kavaka 55:1–11. https://doi.org/10.36460/Kavaka/55/2020/1-11

Hernández-Restrepo M, Giraldo A, van Doorn A, Wingfield MJ, Groenewald JZ, Barreto RW, Colmán

AA, Mansur PSC, Crous PW (2020) The genera of fungi – G6: Arthrographis, Kramasamuha, Melnikomyces, Thysanorea, and Verruconis. Fungal Systematics and Evolution 6(1):1–24. https://doi.org/10.3114/fuse.2020.06.01

Hofstetter V, Buyck B, Eyssartier G, Schnee S, Gindro K (2019) The unbearable lightness of sequenced-based identification. Fungal Diversity 96(1):243–284. https://doi.org/10.1007/s13225-019-00428-3

IUSS Working Group WRB (2015) World reference base for soil resources 2014, update 2015 international soil classification system for naming soils and creating legends for soil maps, World soil resources reports no. 106. FAO, Rome

Karsch-Mizrachi I, Takagi T, Cochrane G (2018) The international nucleotide sequence database collaboration. Nucleic Acids Research 46(D1):D48–D51. https://doi.org/10.1093/nar/gkx1097

Knapp DG, Kovács GM, Zajta E, Groenewald JZ, Crous PW (2015) Dark septate endophytic pleosporalean genera from semiarid areas. Persoonia 35(1):87– 100. https://doi.org/10.3767/003158515X687669

Koch RA, Lodge DJ, Sourell S, Nakasone K, McCoy AG, Aime MC (2018) Tying up loose threads: revised taxonomy and phylogeny of an avian-dispersed Neotropical rhizomorph-forming fungus. Mycological Progress 17(9):989–998. https://doi.org/10.1007/s11557-018-1411-8

Kruse J, Dietrich W, Zimmermann H, Klenke F, Richter U, Richter H, Thines M (2018) Ustilago species causing leaf-stripe smut revisited. IMA Fungus 9(1): 49–73. https://doi.org/10.5598/imafungus.2018.09.01.05

Kuhnert E, Sir EB, Lambert C, Hyde KD, Hladki AI, Romero AI, Rohde M, Stadler M (2017) Phylogenetic and chemotaxonomic resolution of the genus Annulohypoxylon (Xylariaceae) including four new species. Fungal Diversity 85(1):1–43. https://doi.org/10.1007/s13225-016-0377-6

Lendemer JC (2020) Epitypes are forever: best practices for an increasingly misused nomenclatural action. Taxon 69(5):849–850. https://doi.org/10.1002/tax.12289

Lendemer JC (2021) Proposed best practices for taxonomic innovations in lichen and allied Fungi: A framework derived from analysis of more than 1,000 new taxa and new combinations. Bryologist 124(1)

Lendemer J, Thiers B, Monfils AK, Zaspel J, Ellwood ER, Bentley A, LeVan K, Bates J, Jennings D, Contreras D, Lagomarsino L, Mabee P, Ford LS, Guralnick R, Gropp RE, Revelez M, Cobb N, Seltmann K, Aime MC (2020) The Extended Specimen Network: A Strategy to Enhance US Biodiversity Collections, Promote Research and Education. BioScience 70(1):23–30

Linde C, May TW, Phillips RD, Ruibal M, Smith LM, Peakall R (2017) New species of Tulasnella associated with terrestrial orchids in Australia. IMA Fungus 8(1):28–47. https://doi.org/10.5598/imafungus.2017.08.01.03

Liu J, Haelewaters D, Pfliegler WP, Page RA, Dick CW, Aime MC (2020) A new species of Gloeandromyces from Ecuador and Panama revealed by morphology and phylogenetic reconstruction, with a discussion of secondary barcodes in Laboulbeniomycetes taxonomy. Mycologia 112(6): 1192–1202. https://doi.org/10.1080/00275514.2020.1781496

Lücking R, Aime MC, Robbertse B, Miller AN, Aoki T, Ariyawansa HA, Cardinali G, Crous PW, Druzhinina IS, Geiser DM, Hawksworth DL, Hyde KD, Irinyi L, Jeewon R, Johnston PR, Kirk PM, Malosso E, May TW, Meyer W, Nilsson HR, Öpik M, Robert V, Stadler M, Thines M, Vu D, Yurkov AM, Zhang N, Schoch CL (2021) Fungal taxonomy and sequence-based nomenclature. Nature Microbiology (in press)

Lücking R, Aime MC, Robbertse B, Miller AN, Ariyawansa HA, Aoki T, Cardinali G, Crous PW, Druzhinina IS, Geiser DM, Hawksworth DL, Hyde KD, Irinyi L, Jeewon R, Johnston PR, Kirk PM, Malosso E, May TW, Meyer W, Öpik M, Robert V, Stadler M, Thines M, Vu D, Yurkov AM, Zhang N, Schoch CL (2020) Unambiguous identification of fungi: where do we stand and how accurate and precise is fungal DNA barcoding? IMA Fungus 11:1–32

Lücking R, Dal Forno M, Moncada B, Coca LF, Vargas-Mendoza LY, Aptroot A, Arias LJ, Besal B, Bungartz F, Cabrera-Amaya DM, MES C, Chaves JL, Eliasaro S, Gutiérrez MC, Hernández-M JE, Herrera-Campos MA, Holgado-Rojas ME, Jonitz H, Kukwa M, Lucheta F, Madriñán S, Marcelli MP, SMA M, MercadoDíaz JA, Molina JA, Morales EA, Nelson PR, Nugra F, Ortega F, Paredes T, Patiño AL, Peláez-Pulido RN, Pérez-Pérez RE, Perlmutter GB, Rivas-Plata ME, Robayo J, Rodríguez C, Simijaca DF, Soto-Medina E, Spielmann AA, SuárezCorredor A, Torres JM, Vargas CA, Yánez-Ayabaca A, Weerakoon G, WilkK CPM, Diazgranados M, Brokamp G, Borsch T, Gillevet PM, Sikaroodi M, Lawrey JD (2017) Turbo-taxonomy to assemble a megadiverse lichen genus: seventy new species of Cora (Basidiomycota: Agaricales: Hygrophoraceae), honouring David Leslie Hawksworth's seventieth birthday. Fungal Diversity 84(1):139– 207. https://doi.org/10.1007/s13225-016-0374-9

Luo J, Vines PL, Grimshaw A, Hoffman L, Walsh E, Bonos S, Clarke BB, Murphy JA, Meyer WA, Zhang N (2017) Magnaporthiopsis meyeri-festucae sp. nov. associated with a summer patch-like disease of fine fescue turfgrasses. Mycologia 109(5):780–789. https://doi.org/10.1080/00275514.2017.1400306

Luo J, Zhang N (2013) Magnaporthiopsis, a new genus in Magnaporthaceae (Ascomycota). Mycologia 105(4):1019–1029. https://doi.org/10.3852/12-359

May TW, Redhead SA, Bensch K, Hawksworth DL, Lendemer J, Lombard L, Turland NJ (2019) Chapter F of the international code of nomenclature for algae, fungi, and plants as approved by the 11th international mycological congress, San Juan, Puerto Rico, July 2018. IMA Fungus 10:1–14

Mighell KS, Henkel TW, Koch RA, Chin ML, Brann MA, Aime MC (2021) Amanita in the Guineo-Congolian rainforest: Epitypes and new species from the Dja biosphere reserve, Cameroon. Mycologia 113(1):168–190. https://doi.org/10.1 080/00275514.2020.1816386

Minnis AM, McTaggart A, Rossman A, Aime MC (2012) Taxonomy of mayapple rust: the genus Allodus resurrected. Mycologia 104(4):942–950. https://doi.org/10.3852/11-350

Moncada B, Sipman HJM, Lücking R (2020) Testing DNA barcoding in Usnea (Parmeliaceae) in Colombia using the internal transcribed spacer (ITS). Plant and Fungal Systematics 65(2):358–385. https://doi.org/10.35535/pfsyst-2020-0026

Nilsson RH, Tedersoo L, Abarenkov K, Ryberg M, Kristiansson E, Hartmann M, Schoch CL, Nylander JAA, Bergsten J, Porter TM, Jumpponen A, Vaishampayan P, Ovaskainen O, Hallenberg N, Bengtsson-Palme J, Eriksson KM, Larsson K-H, Larsson E, Kõljalg U (2012) Five simple guidelines for establishing basic authenticity and reliability of newly generated fungal ITS sequences. MycoKeys. 4:37–63. https://doi.org/10.3897/mycokeys.4.3606

Niveiro N, Ramírez NA, Michlig A, Lodge DJ, Aime MC (2020) Studies of Neotropical tree pathogens in Moniliophthora: a new species, M. mayarum, and new combinations for Crinipellis ticoi and C. brasiliensis. Mycokeys 6:39–54

Noumeur SR, Teponno RB, Helaly SE, Wang X-W, Harzallah D, Houbraken J, Crous PW, Stadler M (2020) Diketopiperazines from Batnamyces globulariicola, gen. & sp. nov. (Chaetomiaceae), a fungus associated with roots of the medicinal plant Globularia alypum in Algeria. Mycological Progress 19(6):589–603. https://doi.org/10.1007/s11557-020-01581-9

Parker CT, Tindall BJ, Garrity GM (2019) International code of nomenclature of prokaryotes. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 69:S1–S111

Pound MJ, O'Keefe JM, Otaño NBN, Riding JB (2019) Three new Miocene fungal palynomorphs from the Brassington formation, Derbyshire, UK. Palynology 43(4):596–607. https://doi.org/10.1080/01916122.2018.1473300

Réblová M, Nekvindová J, Fournier J, Miller AN (2020) Delimitation, new species and teleomorph-anamorph relationships in Codinaea, Dendrophoma, Paragaeumannomyces and Striatosphaeria (Chaetosphaeriaceae). MycoKeys 74: 17–74. https://doi.org/10.3897/mycokeys.74.57824

Robbertse B, Strope PK, Chaverri P, Gazis R, Ciufo S, Domrachev M, Schoch CL (2017) Improving taxonomic accuracy for fungi in public sequence databases: applying 'one name one species' in well-defined genera with Trichoderma/Hypocrea as a test case. Database 2017:bax072

Santos ARO, Lee DK, Ferreira AG, do Carmo MC, Rondelli VM, Barros KO, Hsiang T, Rosa CA, Lachance MA (2020) The yeast community of Conotelus sp. (Coleoptera: Nitidulidae) in Brazilian passionfruit flowers (Passiflora edulis) and description of Metschnikowia amazonensis sp. nov., a large-spored clade yeast. Yeast 37:253–260

Schoch CL, Aime MC, de Beer W, Crous PW, Hyde KD, Penev L, Seifert KA, Stadler M, Zhang N, Miller AN (2017) Uso de palabras clave estándar en publicaciones para facilitar las actualizaciones de nuevos nombres taxonómicos de hongos. IMA Fungus 8(2):70–73. https://doi.org/10.1007/BF03449466

Schoch CL, Ciufo S, Domrachev M, Hotton CL, Kannan S, Khovanskaya R, Leipe D, McVeigh R, O'Neill K, Robbertse B, Sharma S, Soussov V, Sullivan JP, Sun L, Turner S, Karsch-Mizrachi I (2020) Taxonomía del NCBI: una actualización completa sobre curación, recursos y herramientas. Base de datos 2020:baaa062

Schoch CL, Seifert KA, Huhndorf S, Robert V, Spouge JL, Levesque CA, Chen W, Consorcio de Código de Barras de Hongos (2012) El espaciador transcrito interno como marcador universal de código de barras de ADN para hongos. Actas de la Academia Nacional de Ciencias 109(16):6241–6246. https://doi.org/10.1073/pnas.1117018109

Seifert KA, Rossman AY (2010) Cómo describir una nueva especie de hongo. IMA Fungus 1(2):109–116. Español: https://doi.org/10.5598/imafungus.2010.01.02.02

Sharma S, Ciufo S, Starchenko E, Darji D, Chlumsky L, Karsch-Mizrachi I, Schoch CL (2018) La base de datos NCBI BioCollections. Base de datos 2018:bay006

Sigler L, Hawksworth DL (1987) Comisión Internacional sobre la Taxonomía de Hongos (ICTF): código de práctica para micólogos sistemáticos. Mycopathologia 99(1):3–7. https://doi.org/10.1007/BF00436673

Smith D, da Silva M, Jackson J, Lyal C (2017) Explicación del Protocolo de Nagoya sobre acceso y participación en los beneficios y su implicación para la microbiología. Microbiology 163(3):289–296. Español: https://doi.org/10.1099/mic.0.000425

Spribille T, Fryday AM, Pérez-Ortega S, Svensson M, Tonsberg T, Ekman S, Holien H, Resl P, Schneider K, Stabentheiner E, Thüs H, Vondrák J, Sharman L (2020) Líquenes y hongos asociados del Parque Nacional Glacier Bay, Alaska. The Lichenologist 52(2):61–181. https://doi.org/10.1017/S0024282920000079

Stearn WT (1992) Latín botánico: historia, gramática, sintaxis, terminología y vocabulario, 4.ª ed. David y Charles, Newwon Abbot

Thiers B, Index Herbariorum: un directorio global de herbarios públicos y personal asociado. Jardín Botánico de Nueva York, Nueva York, versión electrónica consultada en 2020.

Thines M, Aoki T, Crous PW, Hyde KD, Lücking R, Malosso E, May TW, Miller A, Redhead SA, Yurkov AM, Hawksworth DL (2020). Escribir los nombres científicos en cursiva en todos los rangos taxonómicos facilita su rápido reconocimiento en artículos científicos. IMA Fungus 11:1–5

Toome M, Roberson R, Aime MC (2013) Meredithblackwellia eburnea gen. Et sp. nov., Kriegeriaceae fam. Nov. and Kriegeriales Ord. Nov—toward resolving higher-level classification in Microbotryomycetes. Mycologia 105(2):486–495. https://doi.org/10.3852/12-251

Turland N (2019) The code decoded: a user's guide to the international code of nomenclature for algae, fungi, and plants, 2nd edn. Pensoft Publishers, Sofia. https://doi.org/10.3897/ab.e38075

Turland N, Wiersema JH, Barrie FR, Greuter W, Hawksworth DL, Herendeen PS, Knapp S, Kusber WH, Li DZ, Marhold K, May TW, McNeill J, Monro AM, Prado J, Price MJ, Smith GF (2018) International code of nomenclature for algae, fungi, and plants (Shenzhen code) adopted by the nineteenth international botanical congress Shenzhen, China, July 2017. Koeltz Botanical

Books, Glashütten
Walsh E, Luo J, Khiste W, Scalera A, Sajjad S, Zhang N (2021) Pygmaeomycetaceae, a new root associated family in Mucoromycotina from the pygmy pine plains. Mycologia 113(1):134–145. https://doi.org/10.1080/00275514.2020.1803649
Wibberg D, Stadler M, Lambert C, Bunk B, Spröer C, Rückert C, Kalinowski J, Cox RJ, Kuhnert E (2021) High quality genome sequences of thirteen Hypoxylaceae (Ascomycota) strengthen the phylogenetic family backbone and enable the discovery of new taxa. Fungal Diversity 106:7–28. https://doi. org/10.1007/s13225-020-00447-5
Wilkinson MD, Dumontier M, Aalbersberg IJ, Appleton G, Axton M, Baak A, Blomberg N, Boiten JW, da Silva Santos LB, Bourne PE, Bouwman J, Brookes AJ, Clark T, Crosas M, Dillo I, Dumon O, Edmunds S, Evelo CT, Finkers R, Gonzalez-Beltran A, Gray AJ, Groth P, Goble C, Grethe JS, Heringa J, t Hoen PA, Hooft R, Kuhn T, Kok R, Kok J, Lusher SJ, Martone ME, Mons A, Packer AL, Persson B, Rocca-Serra P, Roos M, van Schaik R, Sansone SA, Schultes E, Sengstag T, Slater T, Strawn G, Swertz MA, Thompson M, van der Lei J, van Mulligen E, Velterop J, Waagmeester A, Wittenburg P, Wolstencroft K, Zhao J, Mons B (2016) The FAIR guiding principles for scientific data management and stewardship. Scientific Data 3(1):160018. https://doi.org/10.1038/sdata.2016.18
Wittstein K, Cordsmeier A, Lambert C, Wendt L, Sir EB, Weber J, Wurzler N, Petrini LE, Stadler M (2020) Identification of Rosellinia species as producers of cyclodepsipeptide PF1022 and resurrection of the genus Dematophora as inferred from polythetic taxonomy. Studies in Mycology 96:1–16. https://doi. org/10.1016/j.simyco.2020.01.001

Cita original:

Aime, M. C., Miller, A. N., Aoki, T., Bensch, K., Cai, L., Crous, P. W., ... & Schoch, C. L. (2021). How to publish a new fungal species, or name, version 3.0. *IMA fungus*, *12*, 1-15.